

Homework 1 - Algoritmo Genético

Claudia Lizeth Hernández Ramírez

3 de noviembre de 2021

1. Introducción

Determina para cada uno de los tres casos si variar la probabilidad de mutación, la cantidad de cruzamientos y el tamaño de la población tienen un efecto (solo o en combinación) estadísticamente significativo en la calidad de resultado, manteniendo el tiempo de ejecución fijo.

2. Desarrollo

Se trabajó utilizando como base el código proporcionado en clase [1]. Posteriormente con ciclos FOR se trabajaron las repeticiones y las instancias.

Listing 1: Segmento de código Reglas 1, 2 y 3.

```
#Regla 1
#pesos independientes con distribucion uniforme
generador.pesos <- function(cuantos, min, max) {
  return(sort(round((runif(cuantos)) * (max - min) + min))))
}
#valores independientes con distribucion uniforme
generador.valores <- function(cuantos, min, max) {
  return(round((runif(cuantos)) * (max - min) + min))
}
#Regla 2
#valores independientes con distribucion exponencial
generador.valores <- function(cuantos, min, max) {
  return(round(normalizar(rexp(cuantos)) * (max - min) + min))
}
#pesos inversamente correlacionados con el valor
generador.pesos <- function(valores, min, max) {

#Regla 3
#pesos independientes con distribucion normal
generador.pesos <- function(cuantos, min, max) {
  return(sort(round(normalizar(rnorm(cuantos)) * (max - min) + min))))
}
#valores correlacionados con el cuadrado del peso
generador.valores <- function(pesos, min, max) {
  n <- length(pesos)
  valores <- double()
  for (i in 1:n) {
    media <- pesos[i]
    desv <- runif(1)
    valores <- c(valores, rnorm(1, media^2, desv))
  }
}
```

```

}
valores <- normalizar(valores) * (max - min) + min
return(valores)
}

```

Listing 2: Segmento de código Timer.

```

library(tcltk)
tiempo = 8
start = Sys.time()
while(TRUE) {
  elapsed = as.numeric(difftime(Sys.time(), start, units = 'secs'))
  remaining = tiempo - elapsed
  Sys.sleep(0.1)
  print(elapsed)
  if (remaining <= 0) break
}

```

3. Cruzamientos.

Listing 3: Segmento de código Cruzamientos.

```

datos = data.frame()
cruz = c(15, 25, 35) #cruzamientos
reply = 1:3
pm = 0.2 #probabilidad de mutacion

for (rep in cruz){
  for (replica in reply){
    n <- 50 #objetos
    valores <- generador.valores(n, 10, 500)
    pesos <- generador.pesos(valores, 15, 80)
    capacidad <- round(sum(pesos) * 0.65)
    optimo <- knapsack(capacidad, pesos, valores)
    init <- 30 #soluciones
    p <- poblacion.inicial(n, init)
    tam <- dim(p)[1]
    assert(tam == init)
    mejores <- double()

    tiempo = 8 #segundos
    start = Sys.time()

```

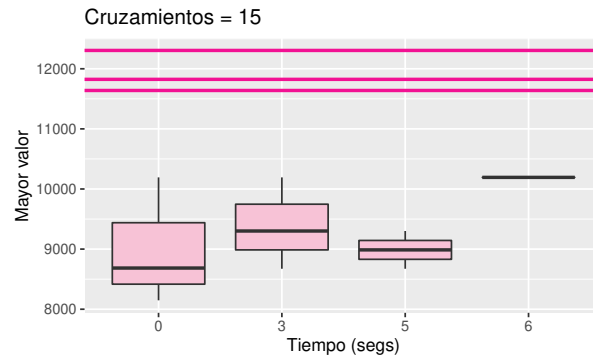


Figura 1: Variación de cruzamientos. Regla 1.

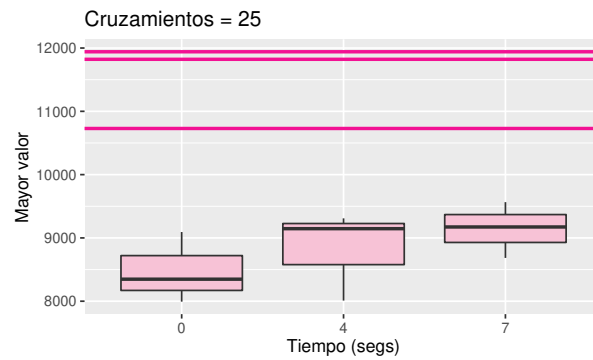


Figura 2: Variación de cruzamientos. Regla 1.

4. Mutaciones.

Listing 4: Segmento de código Mutaciones.

```
mut = c(0.2, 0.5, 0.8) #mutacion
rep <- 10 #cruzamientos
reply = 1:3
for (pm in mut){
  for (replica in reply){
    n <- 50 #objetos
    pesos <- generador.pesos(n, 15, 80)
```

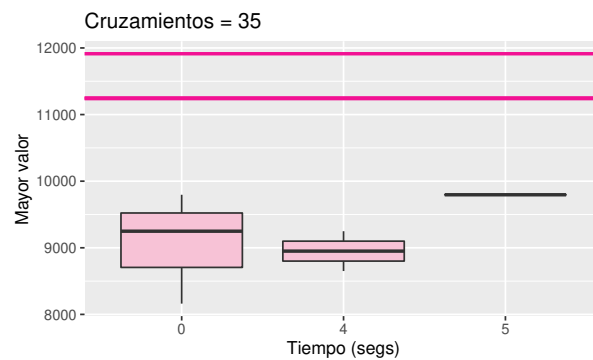


Figura 3: Variación de cruzamientos. Regla 1.

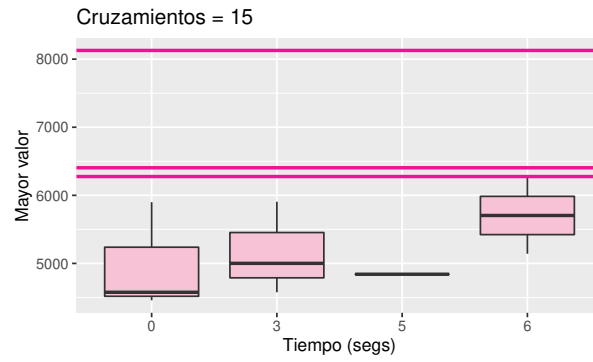


Figura 4: Variación de cruzamientos. Regla 2.

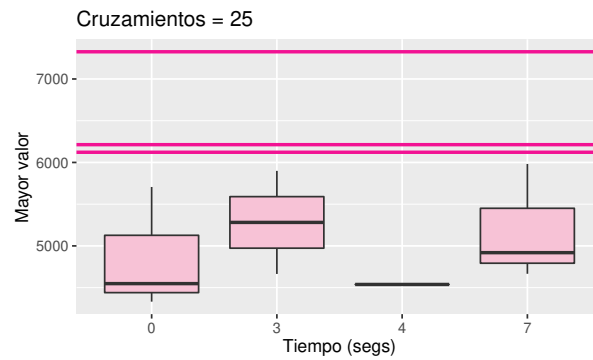


Figura 5: Variación de cruzamientos. Regla 2.

```
valores <- generador.valores(pesos, 10, 500)
capacidad <- round(sum(pesos) * 0.65)
optimo <- knapsack(capacidad, pesos, valores)
init <- 30 #soluciones
p <- poblacion.inicial(n, init)
tam <- dim(p)[1]
assert(tam == init)
mejores <- double()

tiempo = 8 #segundos
start = Sys.time()
```

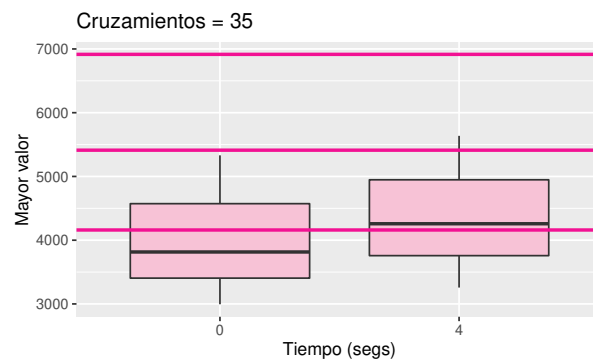


Figura 6: Variación de cruzamientos. Regla 2.

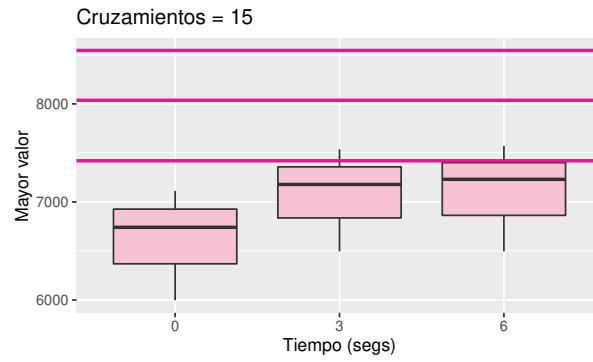


Figura 7: Variación de cruzamientos. Regla 3.

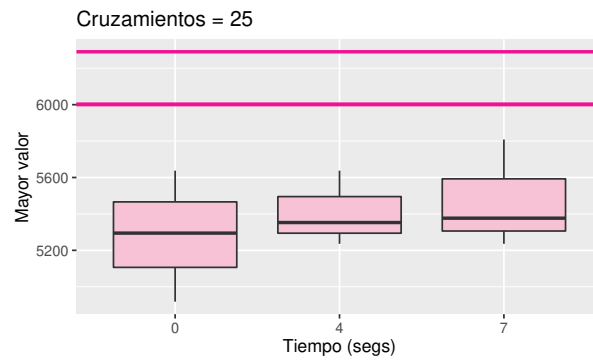


Figura 8: Variación de cruzamientos. Regla 3.

5. Poblaciones.

Listing 5: Segmento de código Poblaciones.

```
pm = 0.1 #Mutacion
rep <- 15 #Cruzamientos
solu = c(20, 35, 50) #Soluciones
reply = 1:2
for (init in solu){
  for (replica in reply){
    n <- 50 #Objetos
```

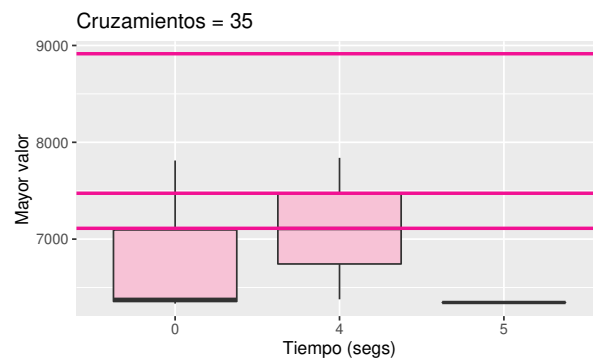


Figura 9: Variación de cruzamientos. Regla 3.

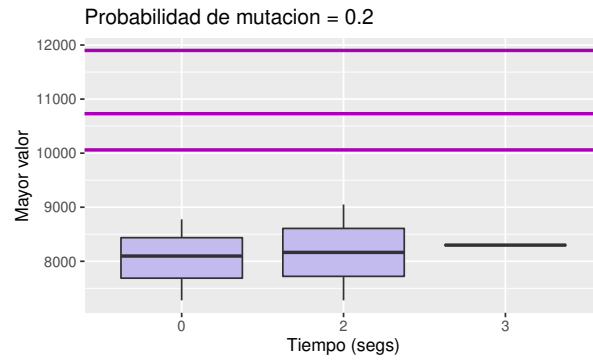


Figura 10: Variación de Mutaciones. Regla 1.

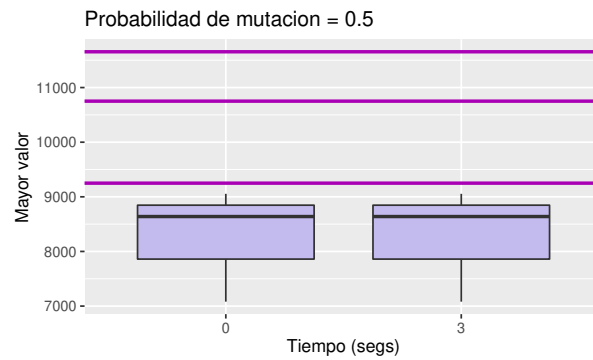


Figura 11: Variación de Mutaciones. Regla 1.

```
pesos <- generador.pesos(n, 15, 80)
valores <- generador.valores(pesos, 10, 500)
capacidad <- round(sum(pesos) * 0.65)
optimo <- knapsack(capacidad, pesos, valores)
p <- poblacion.inicial(n, init)
tam <- dim(p)[1]
assert(tam == init)
mejores <- double()

tiempo = 8 #segundos
start = Sys.time()
```

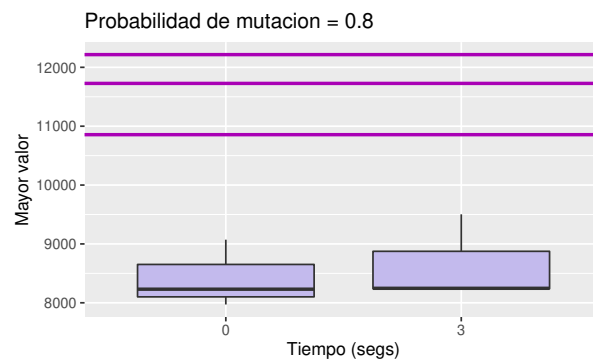


Figura 12: Variación de Mutaciones. Regla 1.

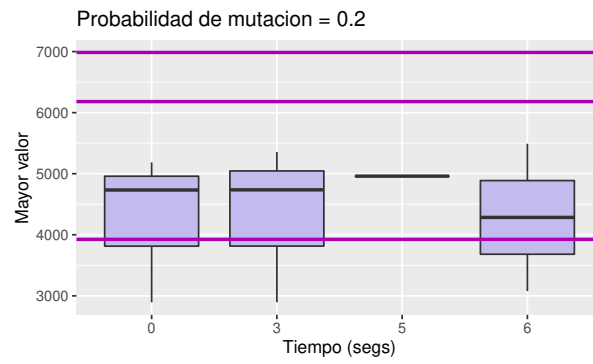


Figura 13: Variación de Mutaciones. Regla 2.

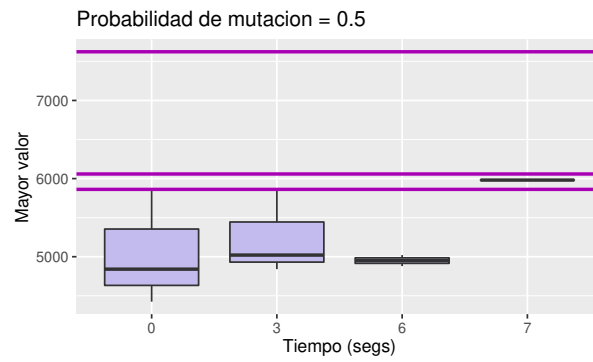


Figura 14: Variación de Mutaciones. Regla 2.

6. Estadística.

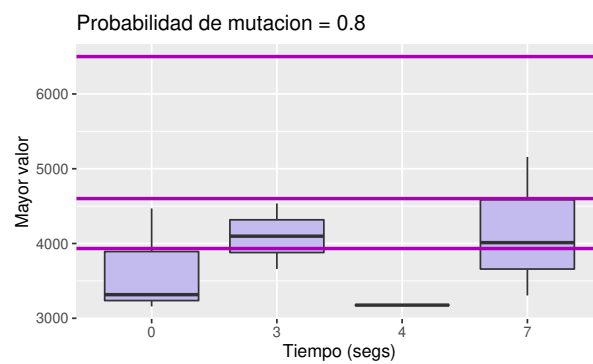


Figura 15: Variación de Mutaciones. Regla 2.

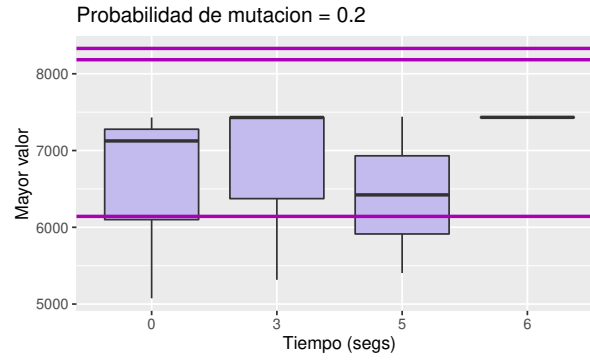


Figura 16: Variación de Mutaciones. Regla 3.

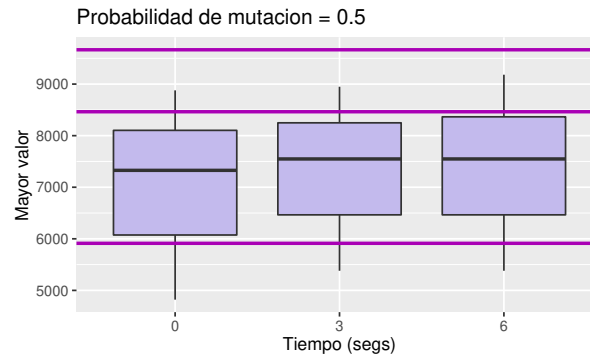


Figura 17: Variación de Mutaciones. Regla 3.

7. Conclusión.

Como se mencionó con anterioridad, manteniendo fijo el tiempo en 8 segundos, y con la información presentada y resumida en el cuadro 28 y en las figuras anteriores, podemos observar que en la **regla 1**, tanto para **mutación**, **cruzación** y **población**. Se logran mejores resultado conforme aumenta el tiempo.

Para la **regla 2**, para cruzamientos sucede los mismo que en la regla 1, se obtienen mejores resultados conforme aumenta el tiempo, pero en mutación no parece existir una relación significativa con el tiempo.

Para la **regla 3**, para la probabilidad de cruzamiento igual que en la regla 1, se observa una tendencia a obtener resultados óptimos conforme el tiempo avanza. Para la probabilidad de mutación y de población se presenta la misma situación, mejores resultados proporcionales al tiempo.

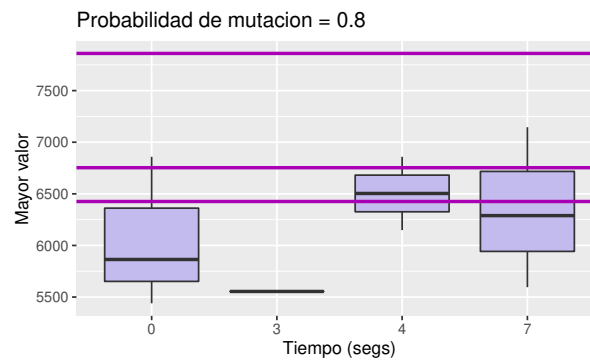


Figura 18: Variación de Mutaciones. Regla 3.

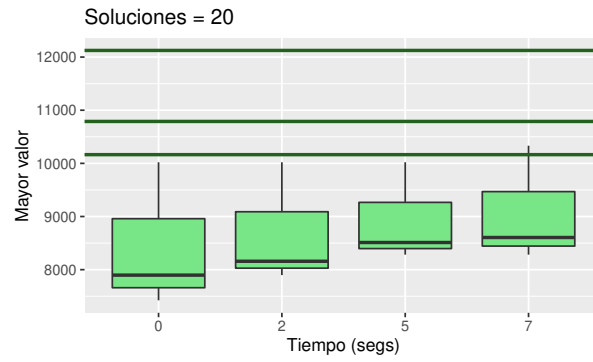


Figura 19: Variación de Poblaciones. Regla 1.

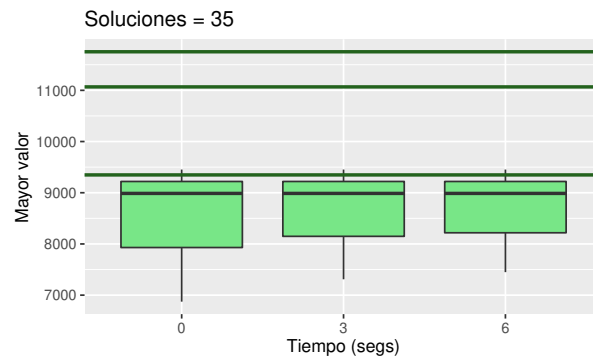


Figura 20: Variación de Poblaciones. Regla 1.

Tambien concluimos que existe un diferencia significativa entre las medias de las variables para la regla 1, 2 y 3.

Referencias

- [1] Elisa Schaeffer. Codigo clase, 2021. URL <https://github.com/satuelisa/Simulation/blob/master/GeneticAlgorithm/perfGA.R>.



Figura 21: Variación de Poblaciones. Regla 1.

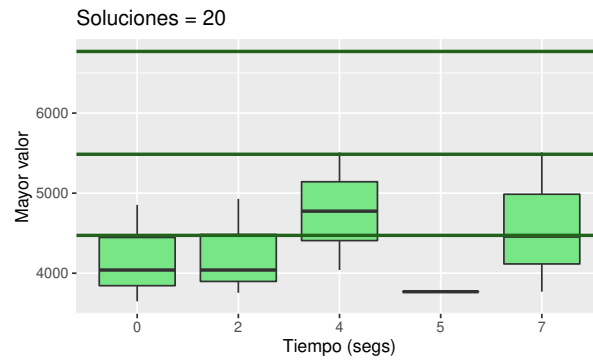


Figura 22: Variación de Poblaciones. Regla 2.

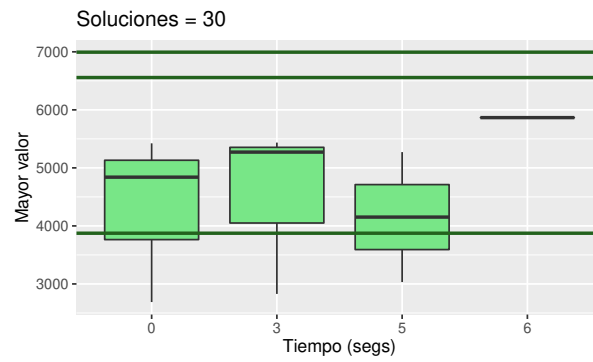


Figura 23: Variación de Poblaciones. Regla 2.

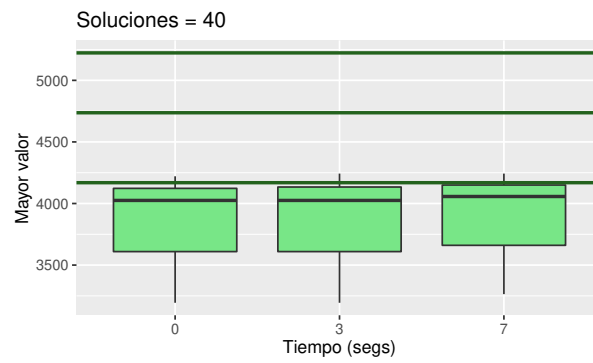


Figura 24: Variación de Poblaciones. Regla 2.

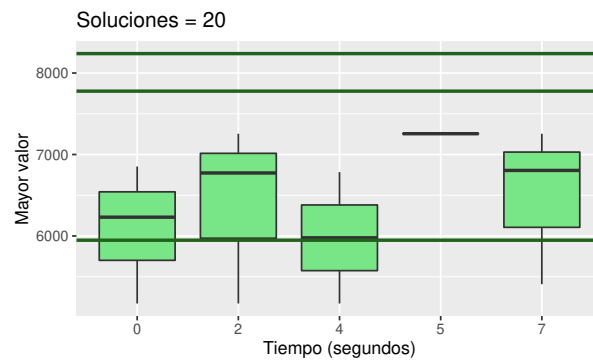


Figura 25: Variación de Poblaciones. Regla 3.

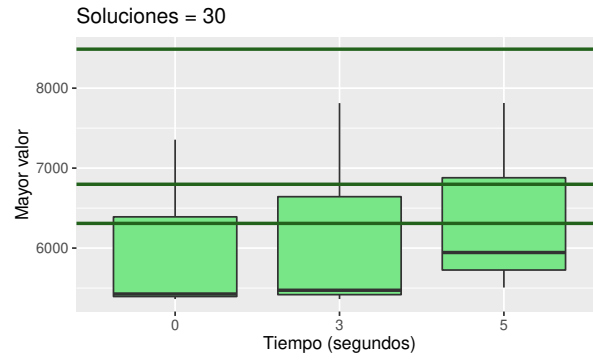


Figura 26: Variación de Poblaciones. Regla 3.

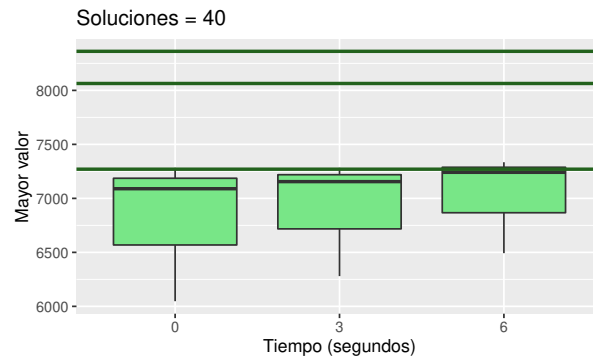


Figura 27: Variación de Poblaciones. Regla 3.

Cuadro 1: Resultados obtenidos de prueba de normalidad de Shapiro. Regla 1 Cruzamiento.

Carga	W value	P value	¿Se acepta H0?
15	0.8682	0.1177	sí
25	0.9009	0.2578	sí
35	0.9053	0.0462	no

Cuadro 2: Diferencias entre grupos. Kruskal-Wallis. Regla 1 Cruzamiento.

	15	25
25	0.79	
35	0.79	0.79

Cuadro 3: Información individual de los datos. Regla 1 Cruzamiento.

Carga	Qty. Participantes	promedio	Desv. Std.	Varianza	Mediana	Rango Intercuartil
15	9	9262	780	608886	9301	1520
5	9	8813	579	335060	9093	825
35	6	9150	645	415876	9249	859

Cuadro 4: Resultados obtenidos de prueba de normalidad de Shapiro. Regla 2 Cruzamiento.

Carga	W value	P value	¿Se acepta H0?
15	0.8807	0.16	sí
25	0.8267	0.04	no
35	0.9223	0.52	sí

Cuadro 5: Diferencias entre grupos. Kruskal-Wallis. Regla 2 Cruzamiento.

	15	25
25	0.48	
35	0.26	0.26

Cuadro 6: Información individual de los datos. Regla 2 Cruzamiento.

Carga	Qty. Participantes	promedio	Desv. Std.	Varianza	Mediana	Rango Intercuartil
15	15	5185	673	452995	5001	1324
5	25	5028	648	419847	4666	1158
35	35	4216	1080	1167110	4036	1666

Cuadro 7: Resultados obtenidos de prueba de normalidad de Shapiro. Regla 3 Cruzamiento.

Carga	W value	P value	¿Se acepta H0?
15	0.9372	0.5534	sí
25	0.9511	0.7029	sí
35	0.6631	0.0024	no

Cuadro 8: Diferencias entre grupos. Kruskal-Wallis. Regla 3 Cruzamiento.

	15	25
25	0.0012	
35	0.5952	0.0035

Cuadro 9: Información individual de los datos. Regla 3 Cruzamiento.

Carga	Qty. Participantes	promedio	Desv. Std.	Varianza	Mediana	Rango Intercuartil
15	15	6929	530	281256	7112	735
5	25	5389	269	72359	5353	402
35	35	6848	758	574169	6378	1100

Cuadro 10: Resultados obtenidos de prueba de normalidad de Shapiro. Regla 1 Mutacion.

Carga	W value	P value	¿Se acepta H0?
0.2	0.9268	0.4159	sí
0.5	0.7675	0.0294	no
0.8	0.8249	0.0972	sí

Cuadro 11: Diferencias entre grupos. Kruskal-Wallis. Regla 1 Mutacion.

	0.2	0.5
0.5	1	
0.8	1	1

Cuadro 12: Información individual de los datos. Regla 1 Mutacion.

Carga	Qty. Participantes	promedio	Desv. Std.	Varianza	Mediana	Rango Intercuartil
0.2	6	8130	741	549403	8198	1174
0.5	6	8258	931	866729	8639	1480
0.8	6	8542	602	362304	8238	634

Cuadro 13: Resultados obtenidos de prueba de normalidad de Shapiro. Regla 2 Mutacion.

Carga	W value	P value	¿Se acepta H0?
0.2	0.8026	0.0219	no
0.5	0.8504	0.0752	sí
0.8	0.8859	0.1813	sí

Cuadro 14: Diferencias entre grupos. Kruskal-Wallis. Regla 2 Mutacion.

	0.2	0.5
0.5	0.31	
0.8	0.37	0.01

Cuadro 15: Información individual de los datos. Regla 2 Mutacion.

Carga	Qty. Participantes	promedio	Desv. Std.	Varianza	Mediana	Rango Intercuartil
0.2	9	4370	1092	1191416	4736	2107
0.5	9	5194	562	315869	5021	1027
0.8	9	3866	719	517514	3660	1164

Cuadro 16: Resultados obtenidos de prueba de normalidad de Shapiro. Regla 3 Mutacion.

Carga	W value	P value	¿Se acepta H0?
0.2	0.6922	0.0011	no
0.5	0.8819	0.1645	sí
0.8	0.9093	0.3116	sí

Cuadro 17: Diferencias entre grupos. Kruskal-Wallis. Regla 3 Mutacion.

	0.2	0.5
0.5	0.75	
0.8	0.75	0.75

Cuadro 18: Información individual de los datos. Regla 3 Mutacion.

Carga	Qty. Participantes	promedio	Desv. Std.	Varianza	Mediana	Rango Intercuartil
0.2	9	6676	1067	1137428	7430	2028
0.5	9	7224	1671	2792608	7549	3498
0.8	9	6195	637	405675	6148	1263

Cuadro 19: Resultados obtenidos de prueba de normalidad de Shapiro. Regla 1 Poblacion.

Carga	W value	P value	¿Se acepta H0?
20	0.8581	0.0463	no
35	0.7943	0.0175	no
50	0.9402	0.5844	sí

Cuadro 20: Diferencias entre grupos. Kruskal-Wallis. Regla 1 Poblacion.

	20	35
35	1	
50	1	1

Cuadro 21: Información individual de los datos. Regla 1 Poblacion.

Carga	Qty. Participantes	promedio	Desv. Std.	Varianza	Mediana	Rango Intercuartil
20	12	8788	1019	1037725	8396	1928
35	9	8550	1036	1072658	8987	2004
50	9	8643	216	46642	8702	145

Cuadro 22: Resultados obtenidos de prueba de normalidad de Shapiro. Regla 2 Poblacion.

Carga	W value	P value	¿Se acepta H0?
20	0.8530	0.0400	no
35	0.7951	0.0179	no
50	0.7557	0.0063	no

Cuadro 23: Diferencias entre grupos. Kruskal-Wallis. Regla 2 Poblacion.

	20	35
35	0.70	
50	0.64	0.64

Cuadro 24: Información individual de los datos. Regla 2 Poblacion.

Carga	Qty. Participantes	promedio	Desv. Std.	Varianza	Mediana	Rango Intercuartil
20	12	4361	681	463701	4040	1104
35	9	4517	1281	1641595	5272	2391
50	9	3830	468	218868	4025	957

Cuadro 25: Resultados obtenidos de prueba de normalidad de Shapiro. Regla 3 Poblacion.

Carga	W value	P value	¿Se acepta H0?
20	0.8125	0.0130	no
35	0.7389	0.0040	no
50	0.7960	0.0184	no

Cuadro 26: Diferencias entre grupos. Kruskal-Wallis. Regla 3 Poblacion.

	20	35
35	0.80	
50	0.33	0.50

Cuadro 27: Información individual de los datos. Regla 3 Poblacion.

Carga	Qty. Participantes	promedio	Desv. Std.	Varianza	Mediana	Rango Intercuartil
20	12	6344	871	759430	6779	1605
35	9	6229	1096	1201556	5507	1930
50	9	6912	497	246937	7155	791

Cuadro 28: Resultados obtenidos de prueba Kruskal-Wallis.

	Chi cuadrada	DF	P
RC1	1.89	2	0.3876
RC2	4.32	2	0.1152
RC3	4.32	2	0.1152
RM1	0.5760	2	0.7497
RM2	7.5683	2	0.0227
RM3	2.3881	2	0.3030
RP1	0.0827	2	0.9595
RP2	2.1273	2	0.3452
RP3	2.8296	2	0.2430